Nicht für den Prüfling bestimmt

I Erläuterungen

Voraussetzungen gemäß KCBG und Abiturerlassen BG jeweils in der für den Abiturjahrgang geltenden Fassung

Standardbezug
Die nachfolgend ausgewiesenen Kompetenzbereiche sind für die Bearbeitung der jeweiligen Aufgabe besonders bedeutsam. Darüber hinaus können weitere, hier nicht ausgewiesene Kompetenzbereiche für die Bearbeitung der Aufgabe nachrangig bedeutsam sein, zumal die Kompetenzbereiche in engem Bezug zueinander stehen. Die Operationalisierung des Bezugs zu den Kompetenzbereichen des Standardbezugs erfolgt in Abschnitt II.

Aufgabe	**Kompetenzbereiche**				
	K1	**K2**	**K3**	**K4**	**K5**
1.1	X	X			
1.2			X		
1.3			X		
1.4			X	X	
1.5.1	X				
1.5.2	X	X	X		
1.6		X	X	X	
2.1.1			X	X	
2.1.2	X	X			
2.2	X	X			
3.1		X	X		
3.2	X	X			
3.3				X	X

Inhaltlicher Bezug
Die nachfolgend ausgewiesenen Themenfelder sind die wesentliche inhaltliche Grundlage für die vorliegenden Aufgaben. Darüber hinaus können weitere, hier nicht explizit ausgewiesene Themenfelder für die Bearbeitung nachrangig bedeutsam sein.
Q2: Molekularbiologische und gentechnische Grundlagen der Biologietechnik
Q3: Theorie der Biologietechnik in Verfahren und Anwendungen
verbindliche Themenfelder: Molekularbiologische Grundlagen (Q2.1), Gentechnische Grundoperationen I (Q2.2), Gentechnische Grundoperationen II und Verfahren (Q3.1)

II Lösungshinweise

In den nachfolgenden Lösungshinweisen sind alle wesentlichen Gesichtspunkte, die bei der Bearbeitung der einzelnen Aufgaben zu berücksichtigen sind, konkret genannt und diejenigen Lösungswege aufgezeigt, welche die Prüflinge erfahrungsgemäß einschlagen werden. Selbstverständlich sind jedoch Lösungswege, die von den vorgegebenen abweichen, aber als gleichwertig betrachtet werden können, ebenso zu akzeptieren.

Nicht für den Prüfling bestimmt

Aufg.	erwartete Leistungen	BE		
		I	II	III
1.1	beschriften 1 = DNA-Doppelhelix, 2 = zwei Nukleotidpaare, 3 = Desoxyribose, 4 = Adenin (alternativ Thymin), 5 = Wasserstoffbrückenbindungen (2), 6 = Thymin (alternativ Adenin), 7 = Phosphat, 8 = Cytosin (alternativ Guanin), 9 = Wasserstoffbrückenbindungen (3), 10 = Guanin (alternativ Cytosin)	5		
1.2	anfertigen geändert nach: https://de.wikipedia.org/wiki/Okazaki-Fragment#/media/Datei:Okazaki_fragment_DE.svg (abgerufen am 06.07.2022). erläutern Initiation: − Entspiralisierung der DNA-Doppelhelix durch das Enzym Topoisomerase am Replikationsursprung − Das Enzym Helikase spaltet die Wasserstoffbrückenbindungen zwischen den Basen. − An die entstandene Replikationsgabel binden Proteine und stabilisieren die entwundenen Einzelstränge. − Um die Replikation zu starten, ist ein sogenannter Primer notwendig, der von dem Enzym Primase hergestellt wird. Hierbei handelt es sich um ein kurzes RNA-Stück aus wenigen Nukleotiden. Der Primer wird jeweils am 3′ Ende der Matrizenstränge befestigt. Elongation: − Eine DNA-Polymerase bindet an den Primer und synthetisiert in 5′-3′-Richtung einen komplementären DNA-Strang. − Die beiden DNA-Stränge sind antiparallel, daher laufen sowohl die Primasen als auch die DNA-Polymerasen an den beiden als Vorlagen dienenden Strängen in entgegengesetzte Richtungen. − Somit wächst an jeder Replikationsgabel der Leitstrang kontinuierlich. − Am Folgestrang müssen immer wieder Primer durch die Primase gesetzt werden, wenn sich die Helikase ein Stück weiterbewegt hat. Dann erst kann		5	

Aufg.	erwartete Leistungen	BE I	BE II	BE III
	die DNA-Polymerase wieder ein Stück verlängern. Es entstehen sogenannte OKAZAKI-Fragmente. − Die RNA-Primer werden mithilfe von einer DNA-Polymerase wieder entfernt und mithilfe einer weiteren DNA-Polymerase durch DNA ersetzt. − Das Enzym DNA-Ligase schließt die noch vorhandenen Lücken. Termination: Bei Eukaryoten endet die Replikation bzw. stoppt die DNA-Polymerase, sobald der DNA-Strang das Ende erreicht hat.		7	
1.3	ableiten, begründen Hypothese: Ein Grund könnten die physikalischen Eigenschaften der Basenpaare sein. Da AT-Paare nur von zwei Wasserstoffbrücken zusammengehalten werden (bei GC sind es drei), ist der ATP-Verbrauch, der zur Trennung dieser Paarung benötigt wird, vermutlich geringer als bei GC-Paaren. ableiten begründen			2 2
1.4	berechnen 250 Adenin- bedeuten auch 250 Thyminmoleküle (komplementäre Basenpaarung). Die Summe von Guanin und Cytosin ergibt dann 1800 Basen (b) – 500 b = 1300 b. Somit beträgt der Anteil an Guanin- bzw. Cytosinmolekülen jeweils 650 b. begründen Entsprechend der Regel von CHARGAFF, die besagt, dass die Anzahl der Adeninmoleküle immer der Anzahl der Thyminmoleküle entspricht und die Anzahl der Guanin- derjenigen der Cytosinreste, können Adeninmoleküle immer nur Wasserstoffbrückenbindungen zu Thyminmolekülen eingehen. Gleiches gilt für Guanin und Cytosin.		2	2
1.5.1	erläutern Das Erhitzen auf 95 °C führt zur Denaturierung der DNA in Einzelstränge. Dabei werden die Wasserstoffbrücken zwischen den komplementären Basen getrennt. Das Abkühlen führt dazu, dass die Einzelstränge sich wieder zu Doppelsträngen zusammenfügen (Renaturierung). Hier werden die Wasserstoffbrücken zwischen den komplementären Basen wieder geknüpft.	3		
1.5.2	beschreiben Die Grafik zeigt die Bildung von DNA-Doppelsträngen nach Erhitzen und anschließendem langsamen Abkühlen im Verlauf der Zeit für 2 verschiedene DNA-Fragmente. Beide Kurven zeigen einen ähnlichen sigmoidalen Verlauf. In Kurve 1 renaturiert die DNA schneller als dies in Kurve 2 der Fall ist. erklären Je ähnlicher die komplementäre Basensequenz der beiden Einzelstränge, desto schneller renaturiert die DNA. Repetitive DNA (hier Kurve 1 mit den immer wiederkehrenden AGCT-Sequenzen) renaturiert schneller als nicht repetitive DNA (Kurve 2), da wiederholende Sequenzen aufgrund der geringeren Komplexität der DNA, also der geringeren Anzahl an unterschiedlichen DNA-Sequenzen, schneller wieder „zusammenfinden“.	3		2

Nicht für den Prüfling bestimmt

Aufg.	erwartete Leistungen	BE		
		I	II	III
1.6	darstellen 100 % Anteil einzelsträngiger DNA 0 % Zeit (relative Einheiten) Hinweis: – – = Mensch-Schimpanse; -▪-▪- = Maus-Schimpanse; —— = Maus-Mensch. Die Kurven Maus-Schimpanse und Maus-Mensch können in der Benennung auch getauscht werden. geändert nach: https://freidok.uni-freiburg.de/fedora/objects/freidok:14445/datastreams/FILE1/content (abgerufen am 10.07.2022). begründen Die DNA des Menschen ist mit der des Schimpansen in ihrer Sequenz sehr ähnlich. Beide Organismen sind näher miteinander verwandt als der Mensch mit der Maus bzw. der Schimpanse mit der Maus. Folglich gibt es zwischen Schimpanse und Mensch mehr identische repetitive Sequenzen bzw. komplementäre Basenpaarungen. Je mehr komplementäre Basenpaarungen vorhanden sind, desto schneller binden die Basenpaare und desto schneller renaturiert die DNA. Aufgrund gleicher verwandtschaftlicher Distanz des Menschen und des Schimpansen zur Maus, sollten die Kurven von Maus-Mensch bzw. Maus-Schimpanse nahezu gleich sein.		3	4
	Summe 40	**11**	**17**	**12**

Aufg.	erwartete Leistungen	BE		
		I	II	III
2.1.1	umsetzen 1 Donorzelle/ Hfr-Zelle; 1; 2; 3a; 3b; Pilus; Akzeptorzelle/ F⁻-Zelle; Bakterien-chromosom 2 1; 2; 3a; 3b; Plasmabrücke 3 1; 2; 3a; 3b 4 Plasmabrücke abgebrochen; 2; 3a; 1 (nur zum Teil übertragen) 5 2; Akzeptorzelle mit eingebautem Gen für Streptomycin-Resistenz Hinweis für den Prüfenden: 1 = Gen für den Aminosäuremangel, 2 = Streptomycinresistenzgen, 3 = F-Faktor (3a = Teil 1 des F-Faktors, der zuerst übertragen wird, 3b = 2. Teil des F-Faktors, der am Ende des Vorgangs übertragen werden kann).			8

Aufg.	erwartete Leistungen	BE I	BE II	BE III
	geändert nach: https://en.wikipedia.org/wiki/Hfr_cell#/media/File:Hfr_Recombination.png (abgerufen am 19.04.2022). erläutern Der Genaustausch von Bakterien beruht auf einem Vorgang, der als Konjugation bezeichnet wird. Hierbei tauschen zwei Bakterien kopierte DNA-Stücke aus, indem sie eine Plasmabrücke bilden. Das hierfür benötigte F-Plasmid ist bei einer Hfr-Zelle in das Chromosom integriert. Die Spenderzelle nimmt mittels Pilus Kontakt zur Empfängerzelle (Akzeptor, F^--Zelle) auf. Proteine bilden daraufhin eine Plasmabrücke aus und das Bakterienchromosom öffnet sich (am Origin of Transfer (OriT)). Durch die Plasmabrücke wird einer der beiden DNA-Stränge des Chromosoms in den Akzeptor übertragen. Bereits während der Übertragung werden die Einzelstränge im Donor und Akzeptor repliziert. Bei der speziellen Konjugation mit Hfr-Zellen werden oft nur Teile des bakteriellen Chromosoms übertragen, im vorliegenden Fall die Gene für die Streptomycinresistenz bzw. diejenigen der Aminosäure-Mangelmutante. Die Übertragung beginnt immer mitten im Fertilitätsfaktor. Da die Plasmabrücke sehr labil ist und z. B. durch Bewegung abbricht, wird der Fertilitätsfaktor meist nicht vollständig mit übertragen. Die Empfängerzelle bleibt in diesem Fall F^-, wird also nicht zur Spenderzelle. Die übertragenen Gene können in das Erbgut der Empfängerzelle eingebaut werden. Das kann dazu führen, dass die Akzeptorzelle entweder die Aminosäure herstellen kann und Streptomycinresistenz zeigt (Rekombinante 1; siehe Abbildung oben) oder dass sie zu einer Aminosäuremangelmutante ohne Streptomycinresistenz wird (Rekombinante 2).		7	
2.1.2	aufzeigen – Zunächst wird ein Vollmedium, Medium 1, verwendet, das alle Nährstoffe und kein Streptomycin enthält. Alle Bakterien (Rekombinanten, Donor- oder Akzeptorstämme) wachsen auf diesem Medium. – Anschließend wird mit einem Samtstempel ein Abdruck der bewachsenen Platte auf weitere drei Medien überstempelt, sodass dort theoretisch ein genaues Abbild der Kulturen des Ansatzes 1 wachsen kann. – Überstempeln auf ein Minimalmedium 2, das die oben angegebene Aminosäure nicht enthält, aber Streptomycin. Hier wachsen nur streptomycinresistente Stämme, die auch das Gen für die Aminosäureherstellung besitzen (Rekombinante 1). – Im Minimalmedium 3 (ohne die Aminosäure und ohne Streptomycin) wachsen nur die Rekombinante 1 und der Akzeptorstamm. – Im Vollmedium 4, das alle Nährstoffe und Streptomycin enthält, können nur die Rekombinante 1 und der Donorstamm wachsen. Der Abgleich der Positionen der Kulturen mit denjenigen im Medium 1 lässt dann eine Zuordnung der jeweils gewachsenen Kulturen zu. So kann die Rekombinante 1 isoliert werden, genauso wie die Rekombinante 2, die ja nur auf Medium 1 wachsen kann. Hinweis für die Prüfenden: Die Aufgabe kann auch ohne Minimalmedium 2 gelöst werden.		2	6
2.2	beschreiben Transduktion: Übertragung von Bakteriengenen mithilfe von Viren. Hierbei unterscheidet man die allgemeine von der speziellen Transduktion. Bei der allgemeinen Transduktion erfolgt die Übertragung bakterieller Gene durch einen virulenten Bakteriophagen. Bei der lytischen Vermehrung des Bakteriophagen in			

Aufg.	erwartete Leistungen	BE I	BE II	BE III
	der Bakterienzelle kann es zufällig passieren, dass in einen Phagen statt der Phagen-DNA ein Stück der Bakterien-DNA eingebaut wird. Infiziert dieser Phage eine andere Bakterienzelle, kann diese bakterielle Fremd-DNA ins eigene Bakteriengenom einbauen. Bei der speziellen Transduktion handelt es sich um temperente Phagen, also Viren, deren DNA nach der Injektion in die Wirtszelle in den lysogenen Zyklus eintreten. Dabei wird die Phagen-DNA an einer bestimmten Stelle in das Genom des Wirtsbakteriums integriert. Dieser sogenannte Prophage vermehrt sich bei jeder Teilung der Bakterienzelle. Durch äußere Einflüsse kann der Phage in den lytischen Zyklus übergehen. Beim Herausschneiden des Prophagen aus dem Genom des Wirtes kann die Phagen-DNA ein Stück der angrenzenden bakteriellen DNA mitnehmen. Dieser Teil der Bakterien-DNA wird dadurch auch in den neuen Phagen eingebaut und bei einer erneuten Infizierung einer Bakterienzelle übertragen.	8		
	Summe 31	**8**	**9**	**14**

Aufg.	erwartete Leistungen	BE I	BE II	BE III
3.1	beschreiben, erläutern – Gewinnung eines Gens bzw. einer Spender-DNA (aus einem Spenderorganismus oder durch chemische Synthese) und der Plasmid-DNA aus einem Bakterium – Im Falle der Isolation aus einem Spenderorganismus wird die DNA mittels spezifischer Restriktionsendonuklease in Bruchstücke geschnitten (verdaut) und das gewünschte Stück z. B. mittels Gelelektrophorese isoliert. – Dann muss die DNA in einen Expressionsvektor, das Plasmid, übertragen werden. Dazu wird der Vektor mit dem gleichen Restriktionsenzym geschnitten wie die Spender-DNA und enthält somit die gleichen Schnittstellen wie diese. Hierbei handelt es sich meist um sogenannte „klebrige Enden“ (sticky ends). – Das Plasmid weist eine Promotorregion auf, damit die eingebaute Spender-DNA erfolgreich exprimiert werden kann. – Um das Plasmid mit erfolgreich eingebauter Spender-DNA selektieren zu können, enthalten diese z. B. Antibiotika-Resistenzgene. – Suspensionen aus geschnittenem Plasmid und Spender-DNA werden gemischt, inkubiert und anschließend mit dem Enzym Ligase versetzt, um die sticky ends miteinander zu verknüpfen. Dabei entstehen teilweise rekombinante Plasmide, aber auch solche Plasmide, die sich wieder schließen, ohne dass das Fremdgen eingefügt wurde. – Die Suspension wird mit kompetenten Bakterien zusammengegeben. Durch Transformation gelangen die Vektoren in die Bakterien. Es entstehen so Bakterienkulturen mit Plasmid und mit Fremdgen, mit Plasmid aber ohne Fremdgen und Bakterien ohne Plasmid. – Die Suspension wird auf entsprechendem Nähragar mit der Stempeltechnik ausplattiert. Im Falle der zwei Markergene für zwei verschiedene Antibiotika wird durch den Einbau der Fremd-DNA ein Markergen durchtrennt und ist dadurch nicht mehr synthetisierbar. Dies hat zur Folge, dass nur Bakterien ohne Fremdgen gegen beide Antibiotika resistent sind, während die mit			

Aufg.	**erwartete Leistungen**	**BE**		
		I	**II**	**III**
	Fremdgen nur eine Resistenz besitzen und diejenigen, die kein Plasmid besitzen, absterben. Die Muster der Agarböden werden verglichen und die Bakterienkulturen mit den Fremdgenen identifiziert. – Handelt es sich um Bakterien, die einen bestimmten Stoff produzieren, werden diese in Fermentern kultiviert. beschreiben erläutern	8	5	
3.2	überführen Reihenfolge: D, A, C, F, E, B erläutern – Erstinfektion des Bakteriums durch einen Virus, wodurch Viren-DNA in das Bakterium gelangt (D). – Die vom Bakterium exprimierten Cas-Proteine zerschneiden die Virus-DNA (A). – Das Bakterium baut Teile der fremden Viren-DNA, die sogenannten Spacer-Sequenzen, in die bakterieneigenen CRISPR-Bereiche innerhalb des Bakterienchromosoms ein. Hierbei handelt es sich um Repeat-Sequenzen, also Abschnitte mit sich wiederholender bakterieneigener DNA (A). – Bei der anschließenden Transkription in der Bakterienzelle wird aus der CRISPR-Region die cr RNA (bestehend aus Repeat- und Spacer-Sequenzen) gebildet (C). – Die bakterielle tracer RNA dient dazu, dass die cr RNA an das bakterielle Cas-Protein binden kann (C). – Der entstandene CRISPR/Cas-Komplex besitzt also die Information bestimmter DNA-Sequenzen des Virus (C). – Versucht ein Virus mit dieser DNA die Zelle noch einmal zu infizieren (F), wandert der CRISPR-Cas-Komplex die Viren-DNA entlang, bei einer passenden komplementären Stelle "erkennt" die RNA das Viren-Genom und dockt an (E). Die Cas-Proteine zerschneiden dann das virale Erbgut, so dass es keinen Schaden mehr anrichten kann (B).	3	3 6	

Aufg.	**erwartete Leistungen**	**BE**		
		I	**II**	**III**
3.3	bewerten Prinzipiell ist CRISPR/Cas eine einfache, schnelle, präzise, universelle und günstige Methode. Punktgenau kann z. B. das Erbgut von Mikroorganismen verändert werden, ohne dass artfremde DNA ins Erbgut eingebaut wird. Nutzpflanzen können gezielter als durch klassische Kreuzungen verändert und an die Umwelt angepasst werden. Ein Risiko besteht darin, dass die CRISPR/Cas 9-Scheren die DNA an unerwünschten Stellen schneiden könnten, was ungewollte Veränderungen im Erbgut auslösen bzw. zu gefährlichen Nebeneffekten führen kann. Bezogen auf die Pflanzenzüchtung könnte man argumentieren, dass diese Methode die natürlichen Regeln der Vererbung umgeht und somit effektiver sein kann. Die CRISPR/Cas-Methode könnte insbesondere bei der Behandlung von Erbkrankheiten beim Menschen enorme Fortschritte mit sich bringen. So könnten Korrekturen von Mutationen an Stammzellen vorgenommen werden, sodass Erbkrankheiten geheilt werden könnten. Auch könnten Keimzellen verändert werden, sodass dann die vorgenommene genetische Veränderung stabil an die Nachkommen weitergegeben werden könnte.			4
	Summe 29	**11**	**14**	**4**

III Bewertung und Beurteilung

Die Bewertung und Beurteilung erfolgt unter Beachtung der nachfolgenden Vorgaben nach § 33 der Oberstufen- und Abiturverordnung (OAVO) in der jeweils geltenden Fassung. Bei der Bewertung und Beurteilung der sprachlichen Richtigkeit in der deutschen Sprache sind die Bestimmungen des § 9 Abs. 12 Satz 3 OAVO in Verbindung mit Anlage 9b anzuwenden.

Bei der Bewertung und Beurteilung der Übersetzungsleistung in den Fächern Latein und Altgriechisch sind die Bestimmungen des § 9 Abs. 14 OAVO in Verbindung mit Anlage 9c anzuwenden.

Der Fehlerindex ist nach Anlage 9b zu § 9 Abs. 12 OAVO zu berechnen. Für die Ermittlung der Punkte nach Anlage 9a zu § 9 Abs. 12 OAVO sowie Anlage 9c zu § 9 Abs. 14 OAVO wird jeweils der ganzzahlige nicht gerundete Prozentsatz bzw. Fehlerindex zugrunde gelegt.

Für die Bewertung in den modernen Fremdsprachen ist der „Erlass zur Bewertung und Beurteilung von schriftlichen Arbeiten in allen Grund- und Leistungskursen der neu beginnenden und fortgeführten modernen Fremdsprachen in der gymnasialen Oberstufe, dem beruflichen Gymnasium, dem Abendgymnasium und dem Hessenkolleg“ vom 7. August 2020 (ABl. S. 519) zugrunde zu legen. Demnach erfolgt die Bewertung und Beurteilung mit der Maßgabe, dass lediglich bei der Ermittlung des Prüfungsergebnisses (Note) aus Prüfungsteil 1 und 2 gerundet wird.

Darüber hinaus sind die Vorgaben der Erlasse „Hinweise zur Vorbereitung auf die schriftlichen Abiturprüfungen (Abiturerlass)“, „Hinweise zur Vorbereitung auf die schriftlichen Abiturprüfungen im beruflichen Gymnasium (fachrichtungs-/ schwerpunktbezogene Fächer) (Abiturerlass BG)“ und „Durchführungsbestimmungen zum Landesabitur“ in der für den Abiturjahrgang geltenden Fassung zu beachten.

Als Kriterien für die Bewertung und Beurteilung dienen unter Beachtung der Zielsetzung der gymnasialen Oberstufe nach § 1 Abs. 2 OAVO neben dem Inhaltlichen auch die in den Kerncurricula genannten überfachlichen Kompetenzen, insbesondere die Sprachkompetenz und Wissenschaftspropädeutik; dies zeigt sich u.a. in qualitativen Merkmalen wie Strukturierung, Differenziertheit, (fach-)sprachlicher Gestaltung und Schlüssigkeit der Argumentation.

Im Fach Biologietechnik besteht die Prüfungsleistung aus der Bearbeitung eines Vorschlags, wofür insgesamt maximal 100 BE vergeben werden können. Ein Prüfungsergebnis von **5 Punkten (ausreichend)** setzt voraus, dass mindestens 45% der zu vergebenden BE erreicht werden. Ein Prüfungsergebnis von **11 Punkten (gut)** setzt voraus, dass mindestens 75% der zu vergebenden BE erreicht werden.

Gewichtung der Aufgaben und Zuordnung der Bewertungseinheiten zu den Anforderungsbereichen

Aufgabe	**Bewertungseinheiten in den Anforderungsbereichen**			**Summe**
	AFB I	**AFB II**	**AFB III**	
1	11	17	12	**40**
2	8	9	14	**31**
3	11	14	4	**29**
Summe	**30**	**40**	**30**	**100**

Die auf die Anforderungsbereiche verteilten Bewertungseinheiten innerhalb der Aufgaben sind als Richtwerte zu verstehen.